



TITLE:

包括的ウイルスゲノム研究のための データリソースと多様性解析法 の開発

AUTHOR(S):

三原, 知子

CITATION:

三原, 知子. 包括的ウイルスゲノム研究のためのデータリソースと多様性解析法の開発. 京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2016, 2015: 11-11

ISSUE DATE:

2016-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/214404>

RIGHT:

包括的ウイルスゲノム研究のためのデータリソースと 多様性解析法の開発

Development of data resource and methods of analyses of diversity for comprehensive study of viral genome.

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター化学生命科学
三原知子

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、ウイルス-宿主相互作用解析のためのデータベースの開発と自然環境における DNA ウイルスの系統多様性の定量的解析法の開発を行った。データベースの開発では、ウイルスとその宿主情報を掲載した **Virus-Host DB** を構築し、さらにそれらの情報を用いてウイルスと宿主間の相互作用についての解析も行った。系統多様性の定量的解析法の開発では、発見されてから間もないメガウイルスという巨大 DNA ウイルスの系統多様性を、細胞性生物との比較により、定量的に求める手法の開発を行った。

研究 1 ウイルス-宿主相互作用解析のためのデータベースの開発

ウイルスは宿主の転写・翻訳システムを利用して自らを複製する存在であるとともに感染した宿主にも影響を与える存在であるため、宿主の特定はウイルスを理解する上で重要である。特定のウイルスだけでなく、ウイルス全体を網羅するような情報はウイルスと宿主の相互作用をシステムティックな研究に必要であるが、そのような情報を精度よく網羅的に蓄積しているデータベースはこれまで存在していなかった。そこで我々は、RefSeq データベースに登録されているウイルスに関して、他のデータベースや論文等の文献からの宿主情報を提供し、他のウイルス関連のデータベースへのリンク情報も付加した **Virus-Host Database** を構築し **GenomeNet** 内で公開した (<http://www.genome.jp/virushostdb/>)。本データベースは、様々なソースからの宿主情報を **Taxonomy ID** という扱いやすい形式に変換して提供している点と、既存のウイルスの多くを網羅しているという点で、これまでにないデータベースである。

研究 2 自然環境における DNA ウイルスの系統多様性の定量的解析法の開発

2003 年に初めてメガウイルスファミリーのウイルスが発見されて以来、現在までに見つかっているメガウイルスは少ないが、メガウイルスが細胞性生物と同等の極めて高い系統多様性を有していることが予想された。そこで本研究では、メガウイルス配列が豊富に存在する海洋のメタゲノムデータからメガウイルスと細胞性生物に共有され、系統関係を良く反映している RNA ポリメラーゼ遺伝子配列を取得し、その配列の多様性を比較することにより、メガウイルスの系統多様性を定量的に解析した。

Richness と **Phylogenetic diversity** スコアという 2 つの系統多様性の指標を用いて、比較した結果、メガウイルスの系統多様性は、真正細菌と古細菌よりも上回ることが明らかとなった。この結果は、メガウイルスが多様なウイルスグループであり、まだ見つかっていないメガウイルスが多く存在していることを示唆している。

発表論文 (謝辞あり)

Tomoko Mihara, Yosuke Nishimura, Yugo Shimizu, Hiroki Nishiyama, Genki Yoshikawa, Hideya Uehara, Pascal Hingamp, Susumu Goto and Hiroyuki Ogata
“Linking virus genomes with host taxonomy”
Viruses (Accepted)